

V

HIV-1/SIVcpz Proteins

Introduction	513
Key to annotations in protein alignments	513
Gag	514
Pol	524
Vif	542
Vpr	546
Tat	548
Rev	550
Vpu	552
Env	554
Nef	570

The HIV-1/SIVcpz protein alignments presented here contain the same sequences used in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignment. Please refer to the tables on pages 127 and 130 for information about these sequences.

Explanation of Symbols in Alignments

Symbol	Meaning
x	nucleotide missing from codon
#	frameshift, or codon contains N or illegal character
\$	stop codon
- -	domain boundaries
/	protein start point
\	protein end point
∨	splice site or exon join
*	cysteine
^^^ [NxS, NxT]	glycosylation site
^^^ [NCS, NCT]	glycosylation site with cysteine
CD4	residue critical for CD4 binding
MHR	major homology region
nls	nuclear localization signal
phos site	phosphorylation site
PKC	protein kinase C binding
Zn-motif	Zinc finger binding motif
M41L etc.	site of common drug resistance mutations in RT

HIV-1/SIVcpz
proteins

HIV-1/SIVcpz protein alignment: GAG

514

Zdrojové

HIV-1/SIVcpz proteins

HIV-1/SIVcpz proteins		HIV-1/SIVcpz protein alignment: GAG	
B, PR, 83, HXB2	B17 V F24	Arginine A binding domain (CypA)	242
A1, KE, 94, MSA069	NSTTQVQNPYVQN12GOMVHQALSPRTLNWVKEVRAFSPVTPNPSALSBEATQDMNLNPGQAMKRENTINPABRVEHGPAPKMRPRESDAGPTST	-D--I--L--AQ--P--I--	240
A1, KE, 94, Q23, 17	N-SN-----A---I---PL-----I-----S-----	-D--I--L--AQ--P--I--	242
A1, SE, 94, SEY253	N-SN-----A---I---SL-----I-----V-----	-D--I--L--AQ--P--I--	241
A1, TZ, 97, 97K202	N-SK-----A---I---SL-----I-----M-----	-D--I--L--AQ--P--I--	239
A1, UA, 00, 98U40126	N-SK-----A---I---SL-----I-----M-----	-D--I--L--AQ--P--I--	241
A1, UC, 95, U455	S-SK-----A---I---SL-----I-----S-----	-D--I--L--AQ--P--I--	239
A1, UG, 93, 92D5037	S-SK-----A---I---SL-----I-----M-----	-D--I--L--AQ--P--I--	241
A2, CD, 97, 97UDK510	SSSSQ-----A-----V-----	-D--I--L--Q-----A--N	242
A2, CY, 94, 94CY017_4_1	SSSSQ-----A-----V-----	-D--I--Q-----P-----	246
B, AR, 99, ARMA132	N-S-----A-----I-----L-----	-D--I--L--AQ--P-----	238
B, AU, 95, ARCC54	N-S-----A-----I-----L-----	-D--I--L--AQ--P-----	240
B, BO, 99, BOL0122	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, CN, -R142	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	244
B, ES, 89, S51X15	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, GA, 68, OYI	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, GS, 93, CAM1	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, NL, 96, 202421	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, RH, 90, EK132	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, US, 83, RP	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
B, US, 90, RBAU160	MS-----N-S-----E-----P-----	-D--I--L--AQ--P-----	242
C, ER, 92, 92ER025	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	240
C, EW, 80, 16EB691_6	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	244
C, EW, 96, 16EB0502	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	239
C, ET, 86, DTH2230	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	240
C, TL, 98, 98TS03	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	239
C, TN, 95, 95TN21068	KVQQKADG-----K-----L-----	-D--I--L--P-----	239
C, TN, 99, 01TN655_10	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	248
C, KE, 00, KER010_6	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	237
C, NM, 99, NM0101_3	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	239
C, TZ, 97, 97TZ04	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	228
C, TZ, 98, 98TZ017	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	243
C, TA, 01, 213AWB	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	237
C, TM, 96, 96ZB652	K-----E-----P-----A-----	-D--I--L--P-----	241
D, CD, 93, ELI	XRS-----I-----KL-----	-D--I--L--P-----	242
D, CD, 93, NEK	XRS-----I-----KL-----	-D--I--L--P-----	243
D, CM, 95, 92Z6	XNS-----S-----E-----	-D--I--L--P-----	239
D, CM, 01, 01CM_00CBBY	XNS-----S-----E-----	-D--I--L--P-----	240
D, KE, 01, 01KE_NK03006	XNS-----S-----E-----	-D--I--L--P-----	242
D, TD, 99, 9NG012	N-S-----S-----HPL-----	-D--I--L--P-----	240
D, OG, 94, 94OG114	N-S-----S-----HPL-----	-D--I--L--P-----	240
D, OG, 99, 99OG08483	N-S-----S-----HPL-----	-D--I--L--P-----	240
D, OG, 99, 99TE21975	N-S-----S-----HPL-----	-D--I--L--P-----	240
F1, BB, 93, V1850	S-----S-----S-----T-----S-----	-D--I--L--P-----	238
F1, BR, 93, 93BR020_1	S-----S-----S-----T-----S-----	-D--I--L--P-----	238
F1, FR, 93, F1D9363	S-----S-----S-----T-----S-----	-D--I--L--P-----	238
F1, FR, 96, MP211	P-----I-----L-----	-D--I--L--P-----	240
F2, CM, 02, 02CM_0016BBY	I-----L-----Q-----P-----	-D--I--L--P-----	236
F2, CM, 95, MP215	I-----L-----Q-----P-----	-D--I--L--P-----	238
F2, CM, 95, MP217	V-KG-----L-----SL-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
F2, CM, 97, CM3657	V-KG-----L-----SL-----	-D--I--L--Q-----P-----	236
G, BE, 96, DRCLB	S-S-----A-----I-----T-----	-D--I--L--Q-----P-----	235
G, DM, 01, 01CM_409HNM	S-S-----A-----I-----T-----	-D--I--L--Q-----P-----	240
G, PY, 93, HE3793_12_1	N-S-----A-----I-----T-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
G, NG, 92, 92N3035	N-----P-----A-----I-----T-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
G, SE, 93, SE6165	N-----P-----A-----I-----T-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
H, BE, 93, V1991	KD8KL-----A-----A-----	-D--I--L--Q-----P-----	244
H, BE, 93, V1997	KD-X-----A-----A-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
H, CP, 90, 90CP056	KD-X-----A-----A-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
J, SE, 93, SE7887	DMS-----I-----P-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
J, SE, 94, SE7022	DMS-----I-----P-----	-D--I--L--Q-----P-----	242
K, CD, 97, EC7E11C	D-----I-----V-----V-----	-D--I--L--Q-----P-----	238
K, CM, 96, MP535	D-----I-----V-----V-----	-D--I--L--Q-----P-----	238

HIV-1/SIVcpz protein alignment: GAG

HIV-1/SIVcpz

HIV-1/SIVcpz protein alignment: GAG

519

	major homology region (MER)	D24_V_T2
B_Fr_83_HX2	LQDQGQWTTTNEFPIPVQSTYKETILGKNTVWVSEPTSLINTDQCKRKEPRPVYVPRVKTRKQASQEVQWMTAQEGVAPATLMEKTAQEVGAPAKHVKVLAEMSQ	-
01_AE_CF_90_90CP4071	-S--V-----V-----V-----V-----	-S---TG-----
01_AE_JP_93_93JUP_NH1	-D-----D-----V-----V-----	-S---TG-----
01_AE_TH_90_CM245	-D-----D-----V-----V-----	-S---TG-----
01_AE_TH_93_93TH9021	-D-----D-----V-----V-----	-S---TG-----
02_AG_CW_62_02CM_167LZ	-S-----S-----V-----V-----	-S---R-----
02_AG_CW_97_97CM_M9807	-S-----S-----V-----V-----	-S---R-----
02_AG_FR_91_DJ263	-D-----D-----V-----V-----	-S---R-----
02_AG_NG_7_TENG	-D-----D-----V-----V-----	-S---R-----
02_AG_SE_94_SE7612	-D-----D-----V-----V-----	-S---R-----
03_AB_BY_00_98BY10443	-D-----D-----V-----V-----	-N---R-----
03_AB_RU_97_KAL153_2	-D-----D-----V-----V-----	-R---SG-----
03_AB_RU_98_RU98001_I	-D-----D-----V-----V-----	-R---SG-----
04_CPK_CY_94_CY52	-S-----S-----V-----V-----	-S---TG-----
04_CPK_GR_91_97PVCH	-S-----S-----V-----V-----	-S---TG-----
04_CPK_GR_97_97PVWV	-D-----D-----V-----V-----	-S---TG-----
05_DF_BE_1_VT1130	-A-----A-----V-----V-----	-Q-----Q-----
05_DF_BF_93_VT941	-T-----T-----V-----V-----	-D-----I-----
05_DF_ES_12492	-A-----A-----V-----V-----	-T-----Q-----
06_GDX_AU_96_BDP90	-S-----S-----V3-----K-----	-P-----D-----
06_GDX_ML_95_95ML127	-G-----V-----V-----V-----	-P-----D-----
06_GDX_ML_95_95ML64	-L-----S-----V-----V-----	-P-----D-----
06_GDX_SN_97_97SE1048	-R-----S-----V-----V-----	-P-----D-----
07_BCL_CN_97_CNAH179	-A-----A-----G-----V-----	-F-----D-----
07_BCL_CN_97_CNAH001	-A-----A-----G-----V-----	-R-----D-----
07_BG_CN_97_CM54	-A-----A-----S-----V-----	-K-----D-----
07_BG_CN_98_98ZC909	-A-----A-----S-----V-----	-K-----D-----
08_BC_CN_97_97CNGX_6P	-G-----D-----V-----V-----	-P-----D-----
08_BC_CN_97_97CNGX_7P	-K-----D-----V-----V-----	-P-----D-----
08_BC_CN_97_97CNGX_9P	-K-----D-----V-----V-----	-P-----D-----
08_FC_CN_99_98CNGC056	-S-----S-----V-----V-----	-P-----D-----
09_CPK_GR_96_96GRH2911	V-----A-----G-----V-----	-F-----T-----
09_CPK_SN_95_95SN195	P-----P-----G-----V-----	-T-----D-----
09_CPK_SN_95_95SN708	P-----P-----G-----V-----	-R-----G-----
09_CPK_SN_99_99SN5457	A-----A-----S-----V-----	P-----D-----
10_CD_TZ_96_96TZ_B9061	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
10_CD_TZ_96_96TZ_B9071	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
11_CPK_CM_02_02CM_1168TN	T-----T-----S-----V-----	D-----D-----
11_CPK_CM_96_4446	G-----G-----R-----V-----	E-----T-----
11_CPK_GR_99_MP1298	R-----R-----V-----V-----	T-----D-----
11_CPK_GR_12917	R-----R-----V-----V-----	S-----R-----
12_BR_AR_97_A32589	Q-----S-----V-----V-----	F-----D-----
12_BR_AR_99_ARMA159	O-----O-----S-----V-----	T-----D-----
12_BR_UV_99_DR723	P-----P-----S-----V-----	F-----D-----
12_BR_UV_99_DR735	P-----P-----S-----V-----	F-----D-----
13_CPK_CM_32_02CM_3236MN	T-----T-----V-----R-----	E-----D-----
13_CPK_CM_96_1949	A-----A-----S-----V-----	F-----D-----
14_BG_ES_00_X475	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
14_BG_ES_00_X477	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
14_BG_ES_00_X623	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
14_BG_ES_99_X397	R-----R-----S-----V-----	P-----D-----
15_01_BTH_02_04TH_QUR1331	S-----S-----D-----V-----	V-----D-----
15_01_BTH_02_02TH_QUR332	A-----A-----D-----V-----	A-----D-----
15_01_BTH_99_99TH_NG2079	S-----S-----A-----D-----	A-----R-----
15_01_BTH_99_99TH_RK2399	S-----S-----V-----V-----	S-----Q-----
16_A2D_EKE_00_KI67LU009	R-----S-----V-----RD-----T-----I-----	S-----D-----
16_A2D_EKE_97_97R0004	R-----S-----V-----V-----	S-----R-----
N_26_YTF106	A-----A-----D-----R-----V-----R-----	T-----D-----
N_CM_95_TB830	A-----A-----V-----D-----V-----R-----	Q-----D-----
O_BB_87_ANT0	Q-----H-----R-----Q-----V-----R-----	S-----G-----
O_CM_97CMWAEC09	Q-----H-----T-----R-----N-----M-----K-----	Q-----Q-----
O_CM_91_NM25180	Q-----I-----T-----R-----N-----M-----K-----	S-----Q-----
O_SN_99_TEMPE299	Q-----VH-----T-----R-----N-----M-----K-----	Q-----S-----
CP2_CD_1_CPAZANT	V-----MQ-----STPQD-GW-----D-----V-----E-----	T-----R-----
CP2_CD_98_CAA5	A-----R-----V-----V-----C-----V-----	P-----A-----
CP2_GA_1_CPAZAB	A-----A-----DV-----R-----V-----C-----V-----	T-----D-----
CP2_HS_85_CPAZUS	V-----V-----A-----D-----R-----V-----C-----V-----	Q-----P-----

HIV-1/SIVcpz
proteins

Diseases

P2		P3		P4		P5		P6		P7		P8		P9		P10		P11		P12		P13		P14		P15		P16		P17		P18		P19		P20		P21		P22		P23		P24		P25		P26		P27	
----	--	----	--	----	--	----	--	----	--	----	--	----	--	----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--	-----	--

HIV-1/SIVcpz protein alignment: GAG

HIV-1/SIVcpz

HIV-1/SIVcpz
Proteins

HIV-1 SIVcpz proteins

	Protease	$\sqrt{P_{36}}$, pol	Reverse transcriptase (RT)	K41L
B.FR.83.HX62	KEALDPTGARDVLEEMSLGERKPKIGGAGFIKVRQYDQILITCGHAIGTVLYGPTVNIGNLITQICNTNEPISPTETPVKLPMDPRTKQWLTTEKRAVECTTEKEKGKSKI			205
A1.KE.00.MSA069	-DID--K-	K-	M-	205
A1.KE.94.Q23.17	-DIN--K-	K-	M-	205
A1.SE.94.S87253	-DIN--K-	K-	M-	205
A1.TZ.97.970202	-DID--K-	K-	M-	205
A1.UA.00.98140116	-DID--K-	K-	M-	205
A1.UG.85.9455	-DIN--K-	K-	M-	205
A1.UG.93.9205037	-K-	-	-	204
A2.CD.97.970DK810	-DIN--K-	K-	-	204
A2.CD.97.970DK848	-DIN--K-	K-	-	204
A2.CY.94.94CY017_41	-R-	-	-	0
B.AR.99.ARMA132	-IN--K-	V-	-	198
B.BU.95.NECC54	-N--K-	A-	-	205
B.BU.99.B0E0122	-D-N-	K-	D-	205
B.CM.-R142	-D-N-	P-	-	205
B.DS.69.S61X15	-IN-	V-	-	205
B.DS.98.981CYI	-N-	-	-	205
B.GB.93.ZAMI	-N-	P-	-	205
B.NL.66.12C2421	-N-	P-	-	205
B.TH.90.RK132	-N--K-	V-	-	204
B.US.83.RE	-D-N-	VP-	-	205
B.US.80.WEAU166	-D-N-	K-	-	204
C.EK.92.Q2ER035	-TK--N-	K-	M-	204
C.EW.90.QUEB43891_6	-I-K-	A-	M-	204
C.EW.96.S6BA05C2	-N--K-	P-	-	204
C.IT.86.DTH220	-IN--K-	I-K-	M-L-R-	211
C.IU.98.98ISU02	-IN--V-	I-K-	M-L-R-	211
C.IN.95.95IN21068	-TA-K-	EE-P-	M-RG-	205
C.IN.99.01IN565_10	-TA-K-	X-	TA-D-	201
C.KE.00.KERZ010_C	-R-	T-	T-A-B-	201
C.MS.99.101D101_3	-T-	VI-K-T-	T-B-	201
C.TZ.97.97T204_-	-IN-K-	SM-K-	TA-E-	201
C.TZ.97.97T204_-	-IN-K-	P-K-	TA-E-	201
C.ZA.97.9734AB	-IN-K-	N-K-	TA-E-	201
C.ZA.97.9734AB	-IN-K-	E-A-K-	TA-E-	201
C.ZM.96.9628652	-Q--IN-K-	E-	-	201
D.CD.93.ELI	-N-K-	P-	I-D-	204
D.CD.93.NEK	-N-K-	Q-	I-D-	204
D.CD.95.9226	-N-K-	M-	I-D-	204
D.CM.01.1CM_009BBX	-DN-K-	VP-	I-V-	204
D.KB.01.LIKE_NK3006	-R-	Q-	I-V-	204
D.TD.99.8NQ12	-ID-K-	VP-	I-V-	204
D.UG.94.94TS114_00	-ID-K-	E-V-V-	I-S-L-	204
D.UG.99.99TS0A08483	-IN-K-	PL-	I-S-L-	204
D.UG.99.99TS0E21975	-IN-K-	V-	I-S-L-	204
F1.BE.93.V1830	-DIN--K-	K-N-	D-N-	205
F1.BR.93.93BR020_1	-DIN--K-	M-	V-	205
F1.FI.93.FD9363_	-DIN--K-	S-	M-	205
F1.FP.96.MP41	-R-	I-K-	T-D-	207
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-R-	-DIN-S-K-R-	T-D-	205
F2.CM.95.MP215	-R-	-DIN-K-	T-R-	205
F2.CM.95.MP257	-R-	-DIN-K-	T-R-	205
F2.CM.97.CM3657	-R-	-DIN-S-K-R-	T-R-	205
G.IB.96.IRCBL_4049HAN	-I-	-ID-K-	S-KR-	204
G.M.01.01CM_4049HAN	-R-	-DIN-K-	S-KR-	204
G.PY.93.93875_12_1	-I-	-DIK-X-	S-K-	204
G.NG.92.92NS035	-I-	-GIN-K-	S-K-	204
G.SL.93.SE6165	-I-	-IN-	S-K-	202
H.BE.93.V1991	-DN-K-	E-VA-	I-L-	203
H.BE.93.V1997	-IN-L-	E-VA-	I-M-	203
H.CP.90.90C0956	-R-	-IN-K-	I-T-	204
J.SD.93.SE7837	-ID-RK-	-NEVP-E-K-	I-TQ-A-E-	203
J.SD.94.SE7032	-R-	-NEVP-E-K-	I-TQ-A-L-E-	203
K.CD.97.ETCE11C	-R-	-IN-K-	WCM-Q-	205
K.CM.96.NP53S	-R-	-IN-K-	W-	205

HIV-1/SIVcpz protein alignment: POL

526

HIV-1/SIVcpz protein alignment: POL

527

	Protease	RT	Integrase	Polymerase	Mat
B.FF.83.HX62	KENLLTGGAGNDVYHEPWLSGQKPKWIGLISSEFTKVEQDQILITCCHKAIGTYWGPTEVNLIGENLTCGTC	YV D66 D51 Reverse transcriptase (RT)			
01_AE_CF_90_90CP4071	-----DIN--K-----	-T-----	-M-----	-T-----	-K--E-----
01_AE_JP_93_93JPF_NH1	R-----DIN--K-----	-T-----	-M-----	-T-----	-K--E-----
01_AE_TH_90_CM245	R-----DIN--K-----	-T-----	-M-----	-T-----	-K--E-----
01_AE_TH_93_93TH9021	R-----DIN--EK-----	-T-----	-M-----	-T-----	-K--E-----
02_AG_CW_62_02CW_1677L3	T-----ID--K-----	-K-----	-M-----	-A-----	-T-----
02_AG_FR_91_DG263	T-----ID--K-----	-K-----	-M-----	-A-----	-TD-M-----
02_AG_NG_7_TENG	T-----ID--K-----	-K-----	-M-----	-A-----	-TD-A-----
02_AG_SE_94_SE7612	T-----ID--K-----	-K-----	-M-----	-A-----	-TD-R-----
03_AB_BY_00_98BY10443	T-----DIN--K-----	-K-----	-M-----	-T-----	-TD-R-----
03_AB_RU_97_KAL153_2	T-----DIN--K-----	-K-----	-M-----	-T-----	-TD-K-----
03_AB_RU_98_RU98001	T-----DIN--K-----	-K-----	-M-----	-T-----	-ID-K-----
04_Cpx_CY_94_CY532	R-----TR--K-----	-P-----	-K-----	-M-----	-T-----
04_Cpx_GR_91_97PVCH	R-----TR--K-----	-P-----	-K-----	-M-----	-T-----
04_Cpx_GR_97_97PVWV	R-----TR--K-----	-P-----	-K-----	-M-----	-T-----
05_DF_BE_1_VT1310	-----DIN--K-----	-V-----	-Q-----	-I-----	-R-----Q-----V
05_DF_BB_93_VT941	-----DIN--K-----	-V-----	-Q-----	-I-----	-T-----D-----R
05_DF_ES_12492	-----DIN--K-----	-V-----	-Q-----	-I-----	-T-----D-----R
06_Cpx_AU_96_BEP90	T-----DIN--K-----	-K-----	-KR--M-----	-I-----	-T-----K-----R
06_Cpx_ML_95_95ML127	T-----DIN--K-----	-K-----	-KR--M-----	-I-----	-T-----K-----R
06_Cpx_ML_95_95ML64	T-----DIN--K-----	-K-----	-KR--M-----	-I-----	-T-----K-----R
06_Cpx_SM_97_97SE1078	T-----DIN--K-----	-K-----	-P-----KR-----	-N-----	-T-----D-----R
07_BCL_CN_97_CNEH179	-----D-N--K-----	-B-----P-----	-P-----KR-----	-I-----	-T-----D-----R
07_BCL_CN_97_97CN001	-----D-N--K-----	-B-----P-----	-P-----KR-----	-I-----	-T-----D-----R
07_BCL_CN_97_CM54	-----D-N--K-----	-B-----P-----	-P-----KR-----	-I-----	-T-----D-----R
07_BCL_CN_98_98CM009	-----D-N--K-----	-B-----P-----	-P-----KR-----	-I-----	-T-----D-----R
08_BC_CN_97_97CNGX_GF	VN--K-----	-E-----P-----	-K-----M-----L-----	-T-----	-TA-D-----T
08_BC_CN_97_97CNGX_7F	VN--K-----	-E-----P-----	-K-----M-----L-----	-T-----	-TA-D-----T
08_BC_CN_97_97CNGX_9F	VN--K-----	-E-----P-----	-K-----M-----L-----	-T-----	-TA-D-----T
08_BC_CN_98_98CNG06	VN--K-----	-E-----P-----	-K-----M-----L-----	-T-----	-TA-D-----T
09_Cpx_GH_96_96GHR2819	-----IN--K-----	-P-----QR-----	-M-----	-I-----	-T-----A-----R
09_Cpx_SN_95_95SN1995	-----IN--K-----	-P-----QR-----	-M-----	-I-----	-T-----A-----R
09_Cpx_SN_95_95SN708	-----IN--K-----	-P-----QR-----	-M-----	-I-----	-T-----A-----R
09_Cpx_SN_99_99SN5457	-----IN--K-----	-P-----QR-----	-M-----	-I-----	-T-----A-----R
10_CD_TZ_96_96TZ_B061	-----V-D--K-----	-E-----P-----	-V-----	-W-----	-VD-----A-----V
10_CD_TZ_96_96TZ_B071	-----V-D--K-----	-E-----P-----	-V-----	-W-----	-VD-----A-----V
11_Cpx_GR_11_GRL7	-----V-D--K-----	-K-----ED-T-----E-----K-----	-V-----	-W-----	-VD-----A-----V
12_BR_AR_97_A32989	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BR_AR_99_ARNA159	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BP_UY_99_DR723	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BP_UY_99_DR735	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
13_Cpx_CM_02_02CM_1168TN	-----D--K-----	-K-----EE-V-----E-----K-----	-W-----	-T-----	-VD-----A-----V
11_Cpx_CM_96_4466	-----D--K-----	-K-----EE-T-----E-----K-----	-W-----	-T-----	-VD-----A-----V
11_Cpx_GR_11_GRL7	-----D--K-----	-K-----ED-T-----E-----K-----	-W-----	-T-----	-VD-----A-----V
12_BR_AR_97_A32989	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BR_AR_99_ARNA159	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BP_UY_99_DR723	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
12_BP_UY_99_DR735	DIN--K-----	-K-----NV-D-----	-I-----	-T-----	-T-----D-----R
13_Cpx_CM_02_02CM_5326MN	-----K-IN-----	-NMGL--E-----K-----T-----	-W-----	-V-----	-R-----K-----K
13_Cpx_CM_96_1949	-----K-IN-----	-NM3--E-----K-----T-----	-W-----	-V-----	-R-----K-----K
13_Cpx_CM_96_1949	-----K-IN-----	-NM8--E-----K-----T-----	-W-----	-V-----	-R-----K-----K
14_BG_ES_00_X475	-----DIN--K-----	-Y-----K-----I-----	-M-----	-T-----	-R-----K-----K
14_BG_ES_00_X477	-----DIN--K-----	-Y-----K-----I-----	-M-----	-T-----	-R-----K-----K
14_BG_ES_00_X623	-----DIN--K-----	-Y-----K-----I-----	-M-----	-T-----	-R-----K-----K
14_BG_ES_00_X397	-----DIN--K-----	-Y-----K-----I-----	-M-----	-T-----	-R-----K-----K
15_01_BTH_02_04TH_QUR1331	-----I-DIN--K-----	-K-----S-----	-W-----	-D-----	-T-----K-----B-----R
15_01_BTH_02_04TH_QUR1332	-----I-DIN--K-----	-K-----S-----	-W-----	-D-----	-T-----K-----B-----R
15_01_BTH_99_99TH_NG2079	-----P--D--K-----	-F-----	-W-----L-----	-D-----T-----	-P-----K-----B-----R
15_01_BTH_99_99TH_RK2399	-----P--D--K-----	-F-----	-W-----L-----	-D-----T-----	-P-----K-----B-----R
16_A2KE_00_KU11009	R-----DIN--K-----	-V-----EXR-----R-----M-----V-----IR-----	-T-----	-S-----	-T-----R-----I-----R-----
16_A2KE_00_KU11009	R-----DIN--K-----	-V-----EXR-----R-----M-----V-----IR-----	-T-----	-S-----	-T-----R-----I-----R-----
N_26_YTB106	R-----I-IQ-E-----K-----	-N-----T-----D-----Q-----R-----V-----	-P-----	-F-----	-A-----B-----R-----R
N_CM_95_TB830	R-----I-IQ-E-----K-----	-N-----T-----D-----Q-----R-----V-----	-P-----	-F-----	-A-----B-----R-----R
O_EE_87_AN70	C-----DNQD-K-----	-KE--NWTV-B-----REBQ-----	-I-----	-G-----L-----	-SN-E-----TA-----Q-----Q-----R
C_CM_97CMWAEC09	C-----DNQD-K-----	-KE--NWTV-B-----REBQ-----	-I-----	-G-----L-----	-SN-E-----TA-----Q-----Q-----R
C_CM_91_NM25180	C-----DNQD-K-----	-KE--NWTV-VQ-K-----REBQ-----	-I-----	-G-----L-----	-SN-E-----TA-----Q-----Q-----R
C_SN_99_TEMPE299	C-----DNQD-K-----	-KE--NWTV-VQ-K-----REBQ-----	-I-----	-G-----L-----	-SN-E-----TA-----Q-----Q-----R
CQ_	C-----DNQD-K-----	-KE--NWTV-VQ-K-----REBQ-----	-I-----	-G-----L-----	-SN-E-----TA-----Q-----Q-----R
CP2_CD_1_CPAZANT	C-----VIIKQ-N-----T-----	-S-----Q-----N-----CP-----Q-----G-----P-----L-----N-----	-XH-----	-E-----R-----	-SK-----B-----N-----DKL-----A-----N-----R-----
CP2_CD_1_CPAZANT	C-----VIIKQ-N-----T-----	-S-----Q-----N-----CP-----Q-----G-----P-----L-----N-----	-XH-----	-E-----R-----	-SK-----B-----N-----DKL-----A-----N-----R-----
CP2_GA_1_CPAZAB	C-----VIIKQ-L-----R-----	-K-----F-----N-----H-----E-----R-----V-----	-A-----T-----	-Q-----	-A-----T-----Q-----
CP2_HS_85_CPAZUS	C-----VIIKQ-L-----R-----	-K-----F-----N-----H-----E-----R-----V-----	-A-----T-----	-Q-----	-A-----T-----Q-----

HIV-1/SIVcpz
proteins

HIV-1 SIVcpz proteins

D6 TR R70R

	Asp 110 catalytic site
B1.FR.83.HX82	GZENFNTTPVFAIKKDSSTWKRKVDFREIANKRTQDDEEVOLGIPHPAGKKKTFPDKTAFITPSINNETPGIRYQNYLPQGAWKGSPYATFOGSNTKTKLEPFKRKPNPDIY
A1.KE.00.MSA069	-I-.....I-
A1.KE.94.Q23.17	-L-.....L-
A1.SE.94.S87253	-L-.....L-
A1.T22.97.970202	-L-.....L-
A1.UH.00.98140116	-L-.....L-
A1.UG.85.U455	-L-.....L-
A1.UG.93.9205037	-L-.....L-
A2.CD.97.97CDKS10	-D-.....D-
A2.CD.97.97CDKS48	-D-.....D-
A2.CY.94.94CY017_41	-A-.....A-
B1.AR.39.ARMA132	-A-.....A-
B2.AR.95.ARCC54	-K-.....K-
B2.BN.99.B0E0122	-R-.....R-
B2.CN.-R142	-A-.....A-
B2.DS.69.S61X15	-K-.....K-
B2.EA.98.OY1	-C-.....C-
B2.GB.93.CAMI	-C-.....C-
B2.NL.66.12C02421	-G-A-.....G-A-
B2.TH.90.RK132	-K-.....K-
B2.US.83.RF	-R-.....R-
B2.US.90.WEAD166	-S-.....S-
C1.EB.92.Q2ER035	-G-.....G-
C1.EW.90.QUEB3891_6	-M-.....M-
C1.FW.96.Q6BA05C2	-G-.....G-
C1.IU.98.Q9IS102	-J-.....J-
C1.TN.95.95IN21068	-T-.....T-
C1.TN.99.01IN565_10	-D-.....D-
C1.KE.00.KERZ010_C	-I-.....I-
C1.MS.99.1D7D01_3	-L-.....L-
C1.TZ.97.177204_-	-I-.....I-
C1.ZA.98.Q9TGE017	-I-.....I-
C1.ZA.99.2134AB	-G-.....G-
C1.ZA.97.9724003	-V-.....V-
C1.ZM.96.Q628652	-S-.....S-
D1.CD.93.ELI	-I-.....I-
D2.CD.93.NEK	-I-.....I-
D2.CD.85.Q226	-I-.....I-
D2.CM.01.L1CM_0CGBBY	-I-.....I-
D2.KE.01.LIKE_NK3006	-I-.....I-
D2.TD.99.QNG012	-I-.....I-
D2.UG.94.Q4T5114	-I-.....I-
D2.UG.99.Q9TGA08483	-I-.....I-
D2.UG.99.Q9TGE21975	-I-.....I-
F1.BE.93.V1830	-G-.....G-
F1.BR.93.Q3B020_1	-K-.....K-
F1.FI.93.PID9363_	-V-.....V-
F1.FR.96.MP41	-I-.....I-
F2.CM.02.Q2CR_0016BBY	-I-.....I-
F2.CM.95.MP255	-R-.....R-
F2.CM.95.MP257	-R-.....R-
F2.CM.97.QM3657	-I-.....I-
G1.BE.96.QRCBL	-I-.....I-
G1.BM.01.Q1CBM_4049HAN	-R-.....R-
G1.FY.93.QK375_12_1	-I-.....I-
G1.NG.92.Q2NSG035	-R-.....R-
G1.SL.93.SE6165	-I-.....I-
H1.BE.93.V1991	-N-.....N-
H1.BE.93.V1991	-S-.....S-
H1.CP.90.QQC056	-K-.....K-
J1.SB.93.QE7837	-X-.....X-
J1.SB.94.QE7032	-I-.....I-
K1.CD.97.QCTB11C	-P-.....P-
K1.CM.96.NP53S	-V-.....V-

HIV-1/SIVcpz protein alignment: POL

		Asp 110 catalytic site	
D67N	K70R	-	-
B_Fr_83_HX62		G22NPKYKNTQHAKKQDSTSWRKWIDPRLANKETQDPPEVOLATIHPKGKKSNTVLDVQD
PPDQDDEPKVYAFTRVQYATTTPSINMETGTRVQYNTLQNSWKGSRPAFQUSNTKILIEPRKONPQWV	
01_AE_CF_90_90CP4071		-	-
01_AE_JP_93_93JJP_NH1		-	-
01_AE_TH_90_CM2416		-	-
01_AE_TH_93_93TH9021		-	-
02_AG_CW_62_02CW_167L3		-	-
02_AG_FR_91_DJ763		-	-
02_AG_NG_7_TENG		-	-
02_AG_SE_94_SE7612		-	-
03_AB_BY_00_98BY10443		-	-
03_AB_RU_97_KAL153_2		-	-
03_AB_RU_98_RU98001		-	-
04_Cpx_CY_94_CY532		-	-
04_Cpx_GR_91_97PVCH		-	-
04_Cpx_GR_97_97PVWV		-	-
05_DF_BE_1_VT1130		-	-
05_DF_BB_93_VT841		-	-
05_DF_ES_12492		-	-
06_Cpx_AU_96_BBP90		-	-
06_Cpx_ML_95_95ML127		-	-
06_Cpx_ML_95_95ML64		-	-
06_Cpx_SN_97_97SE1078		-	-
07_BCl_CN_-CNGH179		-	-
07_Bc_CN_97_97CN001		-	-
07_Bc_CN_97_CM54		-	-
07_Bc_CN_98_98CM09		-	-
08_Bc_CN_97_97CM9		-	-
08_Bc_CN_97_97CMGX_6P		-	-
08_Bc_CN_97_97CMGX_7P		-	-
08_Bc_CN_97_97CMGX_9P		-	-
08_Bc_CN_99_98CMG06		-	-
09_Cpx_GH_96_96GH2B911		-	-
09_Cpx_SN_95_95SN795		-	-
09_Cpx_SN_95_95SN796		-	-
10_CD_TZ_96_96TZ_B061		-	-
10_CD_TZ_96_96TZ_B071		-	-
11_cpx_CM_02_02CM_1168TN		-	-
11_cpx_CM_96_4416		-	-
11_cpx_GR_99_MP1298		-	-
11_cpx_GR_-GR17		-	-
12_BR_AR_97_A32989		-	-
12_BR_AR_99_ARNA15_9		-	-
12_BP_UY_99_UTR223		-	-
12_BP_UY_99_UTR235		-	-
13_cpx_CM_32_02CM_326MN		-	-
13_cpx_CM_96_1949		-	-
14_BG_BS_00_X475		-	-
14_BG_BS_00_X477		-	-
14_BG_BS_00_X623		-	-
14_BG_BS_99_X397		-	-
15_01B_TH_02_02TH_QUR1331		-	-
15_01B_TH_02_02TH_QUR1332		-	-
15_01B_TH_99_99TH_NG2079		-	-
15_01B_TH_99_99TH_R2399		-	-
16_A2D_ME_00_K151009	R	-	-
16_A2D_ME_97_97R0004		-	-
N_26_YTB106		-	-
N_CM_95_TBZ30		-	-
O_BE_97_ANT0		-	-
O_CM_97CMABCG9		-	-
O_CM_91_MP5180		-	-
O_SN_99_EMPE299		-	-
CP2_CD_-CPZANT		-	-
CP2_CD_98_CAN5		-	-
CP2_GA_-CPZGAB		-	-
CP2_IS_85_CPDZ05		-	-

529

HIV-1/SIVcpz
proteins

HIV-1 SIVcpz Proteins

Polymerase motif F

X219Q

	T215Y	K219Q
YQMDLIVGSDLEIQLGQERTKTEELQHLLRQLTDPDKEQREPEPLMGGYELIEDKTVQFIVPERDSVTHDQXLYGKLMWASQYEGIKYRQCLCKTGZKALTEVILPTEAELAEENRPTL		
B1.FR.83.HXB2	-A-V--A-S-	-E--A-K--A-DIV-
A1.KE.00.MSA069	-A--A-S-	-A--K--A-DIV-
A1.KE.94.Q23.17	-A--A-S-	-A--K--A-DIV-
A1.SE.94.S37253	-A--A-S-F-	-E--E--A-DIV-
A1.T22.97.970202	-A--A-S-F-	-E--E--A-DIV-
A1.IB.00.98140156	-A--A-S-F-	-E--E--A-DIV-
A1.IG.85.9455	-A--A-S-F-	-E--E--A-DIV-
A1.UG.92.9205037	-E--K-F-	-Q--M-D--A-DIV-
A2.CD.97.97CDKS10		
A2.CD.97.97CDKS48		
A2.CY.94.94CY017_41	-D-A--A-F-	-E--A-DIV-
B1.AR.39.ARMA132	-S-V-A-Z-FY-	-K-A-A-DIV-
B2.AR.95.NECC54	-K-F-	-V-A-E-DIV-
B2.BD.99.BD0122	-K-	-A-K-VQ-K--V-
B2.CN.-RI42	-A-F-	-H--A-K--VQ-K--V-
B2.ES.69.S61X15	-K-K-P-	-A-K-ZE-A-K--VQ-K--V-
B2.GA.98.OYI	-P-	-M-A-K-ZN-A-K--VQ-K--V-
B2.GB.93.ZAMI		
B2.NL.66.ZAC02421	-P-	-M-A-K-H-A-K--VQ-K--V-
B2.TH.90.RK132	-P-	-A-K-VQ-K--VQ-K--V-
B2.US.83.RF	-E-K-F-	-D-A-K--VQ-K--VQ-K--V-
B2.US.90.WEAU166	-F-	-K-E-A-K--VQ-K--VQ-K--V-
C1.EK.92.Q2ER025	-A-A-	-Q-A-A-DIV-
C1.EW.90.QUEB3891_6	-B-E-	-Q-A-A-DIV-
C1.EW.96.Q6BA05C2	-R-AQ-B-K-F-	-Q-D-A-A-DIV-
C1.TT.86.DTH220	-AP-B-K-F-	-Q-Q-A-A-DIV-
C1.TL.98.Q9IS102	-K-A-D-B-K-F-	-Q-Q-A-A-DIV-
C1.TN.99.95IN21068	-A-X-F-	-Q-Q-A-A-DIV-
C1.TN.99.01IN565_10	-A-A-K-F-	-Q-Q-A-A-DIV-
C1.KB.00.KER201C_	-A-B-F-	-Q-D-A-A-DIV-
C1.MS.99.VIDU01_3	-A-B-K-F-	-Q-R-A-A-DIV-
C1.TZ.97.97T204_-	-K-A-V-F-	-T-Q-A-A-DIV-
C1.TZ.97.97T204_1	-A-A-Z-E-	-Q-Q-A-A-DIV-
C1.ZA.91.2134AB	-A-S-K-F-	-K-A-A-DIV-
C1.ZM.97.9724003	-A-E-K-F-	-Q-G-A-A-DIV-
C1.ZM.96.9628652	-A-E-K-F-	-Q-A-A-DIV-
D1.CD.93.ELI	-K-S-F-X-	-S-K-E-BR-A-K--V-
D1.CD.93.NIK	-E-S-F-	-N-E-A-K--V-
D1.CD.85.8226	-S-Z-F-	-K-E-A-K--V-
D2.CM.01.L1CM_009BBX	-A-S-Z-F-	-S-K-A-K--V-
D2.KB.01.LIKE_NK3006	-A-S-Z-F-	-S-K-A-K--V-
D2.TD.99.8NQ12	-Q-S-F-	-S-T-K-E-A-K--V-
D2.UG.94.94TS114_00	-Q-S-F-	-H-E-A-K--V-
D2.UG.99.99TS084833	-RE-T-G-K-F-Y-	-T-E-C-A-V-
D2.UG.99.99TS021975	-D-T-G-K-F-Y-	-E-E-C-A-V-
F1.BE.93.V1830	-E-F-H-	-H-O-N-E-A-DIV-A-K--V-
F1.BR.93.93BR020_1	-E-K-P-	-O-D-A-A-DIV-A-K--V-
F1.FP.93.FD9363_1	-L-N-E-K-P-	-Q-D-X-I-K-A-A-DIV-A-K--V-
F1.FP.96.MP41		
F2.CM.02.02CR	-A-B-E-	-A-Q-N-S-A-D-V-A-
F2.CM.02.02CR	-A-B-E-	-A-Q-N-S-A-D-V-A-
F2.CM.95.MP255	-A-B-E-	-A-Q-D-S-A-D-V-A-
F2.CM.97.CM3657	-A-B-E-K-P-	-Q-D-S-A-D-V-A-
G1.BE.96.IRCBL_4049HAN	-A-B-E-F-Q-	-O-N-E-N-A-DIV-A-M--K-
G1.BM.01.01CLM_4049HAN	-A-B-E-F-Q-	-O-N-E-N-A-DIV-A-M--K-
G1.FP.93.HK3793_12_1	-A-B-E-F-Q-	-R-XH-R-A-D-V-A-
F2.CM.92.92NS035	-A-B-E-K-F-	-R-XH-R-A-D-V-A-
G1.SL.93.SE6165	-A-B-E-K-P-	-R-XH-A-D-V-A-
H1.BE.93.V1991	-E-B-F-Q-	-V-K-A-D-V-K--K-
H1.BE.93.V1991	-A-A-E-F-Q-	-N-X-A-A-D-V-K--K-
H1.FP.93.FD9363_1	-E-K-F-Q-	-ED-Q-ED-A-K-A-DIV-A-K--V-
J1.SD.93.SE7837	-E-K-F-Q-	-Q-ED-Q-ED-A-K-A-DIV-A-K--V-
J1.SD.94.SE7032	-E-K-F-Q-	-Q-ED-Q-ED-A-K-A-DIV-A-K--V-
K1.CD.97.ETCB11C		
K1.CM.96.NP53S		

HIV-1/SIVcpz protein alignment: POL

530

HIV-1/SIVcpz protein alignment: POL

	polymerase motif	T215Y	K219Q
B_Fr_83_HX62	YQMEFLVYGSQLEIQLQESTKTEREPOHLRQEATPDKTVEPPTVPEKSDSTWVQDQVQKLNWASQINPGTKEQCLGKLTGKTYLRTGKALTYLVEULTEAPELAEANRTE	-	-
01_AE_CF_90_90CP4071	-G-----A---S---F-----S-----	R----D-E----Q----D-V-----	A---K----A---D-V-----
01_AE_JP_93_93JUP_NH1	-R---T-A-S-P-----R-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
01_AE_TH_90_CM247	-K-----A-S-P-----R-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
01_AE_TH_93_93TH9021	-T-A-A-S-P-----R-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
02_AG_CW_62_02CW_1677L3	-A-K-D-K-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
02_AG_Fr_91_DN263	-K---A-B-K-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
02_AG_NG_7_TENG	-A-G-K-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
02_AG_SE_94_SE7612	-A-B-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
03_AB_BY_00_98BYA10443	-E-F-A-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
03_AB_RU_97_KAL153	-E-F-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
03_AB_RU_98_RU980012	-E-F-F-----Q-----	A---K----A---D-V-----	A---D-V-----
04_Cpx_CY_94_CY532	-A-----F-----QPA-----	-K-----A-----DIV----T-----	-A-----DIV----T-----
04_Cpx_GR_91_97PVCH	-B-----FF---Q-----	-A-K-----A-----DIV----T-----	-A-K-----A-----DIV----T-----
04_Cpx_GR_97_97PVWV	-B-----FF---Q-----	-A-K-----A-----DIV----T-----	-A-K-----A-----DIV----T-----
05_DF_BE_1_VT1310	-A-K-E-A-P-----Q-D-----	Q-N-----Q-D-----	Q-N-----Q-D-----
05_DF_BE_93_VT941	-E-K-P-----Q-D-----	Q-N-----Q-D-----	Q-N-----Q-D-----
06_Cpx_AU_96_BPF90	-A-B-K-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----
06_Cpx_ML_95_95ML127	-A-B-K-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----
06_Cpx_ML_95_95ML64	-A-B-K-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----	A-B-----Q-D-B-----
06_Cpx_SM_95_95SM104	-E-V-----Q-D-----	Q-D-----Q-D-----	Q-D-----Q-D-----
07_BCI_CN_-CNGH179	-C-----Q-N-----	Q-N-----Q-N-----	Q-N-----Q-N-----
07_BCI_CN_97_CNGH001	-P-----Q-----	Q-----Q-----	Q-----Q-----
07_BCI_CN_97_CM54	-P-----Q-----	Q-----Q-----	Q-----Q-----
07_BCI_CN_98_98CM209	-P-----Q-----	Q-----Q-----	Q-----Q-----
08_BCI_CN_97_97CM9X_GF	-B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----
08_BCI_CN_97_97CMGX_7F	-B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----
08_BCI_CN_97_97CMGX_9F	-B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----	B-K-----Q-N-----
08_BCI_CN_98_98CMG056	-V-----Q-----	Q-----Q-----	Q-----Q-----
09_Cpx_GH_96_96GH2811	-A-K-E-K-P-----Q-D-E-----	A-K-----Q-D-E-----	A-K-----Q-D-E-----
09_Cpx_SN_95_95SN195	-AT-E-K-P-----Q-D-E-----	AT-E-K-----Q-D-E-----	AT-E-K-----Q-D-E-----
09_Cpx_SN_95_95SN708	-A-E-K-P-----Q-D-Y-----	A-E-K-----Q-D-Y-----	A-E-K-----Q-D-Y-----
10_CD_TZ_96_96TZ_B061	-Q-H-TL-G-K-F-A-----	Q-H-TL-G-K-F-A-----	Q-H-TL-G-K-F-A-----
10_CD_TZ_96_96TZ_B071	-A-D-G-K-F-----K-----	A-D-G-K-F-----K-----	A-D-G-K-F-----K-----
11_Cpx_CM_02_02CM_1168TN	-B-V-K-K-----Q-D-E-----	B-V-K-K-----Q-D-E-----	B-V-K-K-----Q-D-E-----
11_Cpx_CM_96_4446	-B-V-K-K-----Q-D-E-----	B-V-K-K-----Q-D-E-----	B-V-K-K-----Q-D-E-----
11_Cpx_FR_99_MP1298	-E-V-K-K-----Q-D-E-----	E-V-K-K-----Q-D-E-----	E-V-K-K-----Q-D-E-----
11_Cpx_GR_-GR17	-E-V-K-K-----Q-D-E-----	E-V-K-K-----Q-D-E-----	E-V-K-K-----Q-D-E-----
12_BR_AR_97_A32589	-E-H-D-T-----K-----	E-H-D-T-----K-----	E-H-D-T-----K-----
12_BR_AR_99_ARNA159	-F-----K-----	F-----K-----	F-----K-----
12_BP_UY_99_DRCT23	-K-----D-----	K-----D-----	K-----D-----
12_BP_UY_99_DRCT35	-A-F-----	A-F-----	A-F-----
13_Cpx_CM_32_02CM_3236MN	-B-V-K-----Q-D-----	B-V-K-----Q-D-----	B-V-K-----Q-D-----
13_Cpx_CM_96_196	-P-----A-Q-----	P-----A-Q-----	P-----A-Q-----
13_Cpx_CM_96_196_4164	-P-----A-Q-----	P-----A-Q-----	P-----A-Q-----
14_BG_ES_00_X475	-A-K-S-F-----Q-DE-----	A-K-S-F-----Q-DE-----	A-K-S-F-----Q-DE-----
14_BG_ES_00_X477	-A-G-S-F-----Q-DE-----	A-G-S-F-----Q-DE-----	A-G-S-F-----Q-DE-----
14_BG_ES_00_X623	-A-V-G-S-F-----Q-DE-----	A-V-G-S-F-----Q-DE-----	A-V-G-S-F-----Q-DE-----
14_BG_ES_99_X397	-A-G-K-S-F-----Q-DE-----	A-G-K-S-F-----Q-DE-----	A-G-K-S-F-----Q-DE-----
15_01_BI_TH_02_04TH_QUR1331	-T-V-A-S-P-----R-----	T-V-A-S-P-----R-----	T-V-A-S-P-----R-----
15_01_BI_TH_02_02TH_QUR1332	-T-A-S-P-----R-----	T-A-S-P-----R-----	T-A-S-P-----R-----
15_01_BI_TH_99_99TH_NG2079	-A-S-P-----R-----	A-S-P-----R-----	A-S-P-----R-----
15_01_BI_TH_99_99TH_RK2399	-R-----R-----	R-----R-----	R-----R-----
16_A2D_EKE_00_KI615009	-T-U-R-----S-K-E-----	T-U-R-----S-K-E-----	T-U-R-----S-K-E-----
16_A2D_EKE_97_97R0004	-R-----R-----	R-----R-----	R-----R-----
N_024_YTF106	-A-ETV-G-K-F-----K-----	A-ETV-G-K-F-----K-----	A-ETV-G-K-F-----K-----
N_CM_95_TBFB30	-IA-EAVD-D-K-F-----K-----	IA-EAVD-D-K-F-----K-----	IA-EAVD-D-K-F-----K-----
O_BB_87_AN70	-PLBD-KR-L-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KR-L-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KR-L-YQ-F-----Q-NE-----
C_CM_97CMWAEC09	-PLBD-KR-V-A-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KR-V-A-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KR-V-A-B-YQ-F-----Q-NE-----
C_CM_91_NM25180	-PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----
C_SN_99_SEMP1299	-PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----	PLBD-KRVL-B-YQ-F-----Q-NE-----
CP2_CD_-, CPZANT	-M-TA-EN-K-----QV-----Q-----	M-TA-EN-K-----QV-----Q-----	M-TA-EN-K-----QV-----Q-----
CP2_CD_98_CAA5	-K-V-L-T-----S-----	K-V-L-T-----S-----	K-V-L-T-----S-----
CP2_GA_-, CPZAB	-D-K-V-P-----I-----	D-K-V-P-----I-----	D-K-V-P-----I-----
CP2_HS_85_CPDZ05	-NIK-E-V-L-Y-T-F-----E-----	NIK-E-V-L-Y-T-F-----E-----	NIK-E-V-L-Y-T-F-----E-----

531

HIV-1/SIVcpz
proteins